

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
Q5VT52	RPRD2_HUMAN	Homo sapiens	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 2	36.444065	T172;S173;T174;S396;S399;T400;S401;T404;T407;S411;S414;T422;S436;S438;S440;T470;S476;T484;S487;T490;T495;T500;T501;T502;S503;T528;S540;S545;T547;S554;S558;S560;T561;S562;S564;T568;T572;S589;S596;S597;T598;S599;T604;S607;S614;S628;S762;S864;S973;S976;T980;T985;T990;S991;S999;T1003;S1068	S16;S356;T358;S374;S473;S476;S479;T482;S485;T517;S564;S593;T598;S614;S663;S665;S716;T723;S730;T732;S758;S762;T763;S769;S817;S826;S900;S909;S928;S965;S976;S1068;S1099	27114449;35289036;31637018;29237092;32574038;33214551;23301498;34846842;34725712;35254053;31492838;32119511;22661428;29249144;20068230;30379171;36240223;30620550;29351928;35132862;30059200;35138101;34019948;28657654;34931806	MAAGGGGGSSKASSSSASSAGALES SLDRKFQSVTNTMESIQGLSSWCIE NKKHHSTIVYHWMKWLRRSAYPHR LNLFYLANDVIQNCRRKNAIFRESF ADVLPEAAALVKDPSVSKSVERIFKI WEDRNVYPEEMIVALREALSTTFKT QKQLKENLNKQPNKQWKKSQSTSN PKAALKSKIVAEFRSQALIEELLYKR SEDQIELKEKQLSTMVVDVCSTETL KCLKDKTGGKKFSKEFEEASSKLEE FVNGLDKQVKNGPSLTEALENAGIF YEAQYKEVKVAVANAYKTFANRVNLL KKKLDQLKSTLPDPEESPVPSPSMD APSPTGSESPFQGMGGEESSQSPTME SEKSATPEPVTDNRDVEDMELSDVE DDGSKIIVEDRKEKPAEKSAVSTSV TKPTENISKASSCTPVVMTATPPL PKPVNTSLSPSPALALPNLANVDLAK ISSILSSLTSMKNTGVSPASRPSPG TPTSPSNLTSLGLKTPAPATTTSHNPL ANILSKVEITPESILSALSKTQTQSAP ALQGLSLLQSVTGNPVPASEAASQ STSASPANTTVSTIKGRNLPSAQPFI PKSFNYSPNSSTSEVSSTASKASIG QSPGLPSTTFKLPNSNLGFTATHNTS PAAPTEVTICQSSEVSKPKLESESTS PSLEMKIHNFLKGNPGFSGNLNLNPI LSSLGSSAPSESHPSDFQRGPTSTSI DNIDGTPVRDERSGTPTQDEMMDK PTSSSSVDTMSLLSKIISPGSSTPSSTR SPPPGRDESYPRELSNSVSTYRPFGL GSESPYKQPSDGMERPSSSLMDSSQE KFYPDTSFQEEDEYRDFEYSGPPPSA MMNLEKKPAKSILKSSKLSDTTEYQ PILSSYSHRAQEFVKSFAFPSSVRAL LDSSENCURLSSSPGLFGAFSVRGN EPGSDRSPSPSKNDSFFTPDSNHNS LSQSTTGHLSPQKQYPDSPHPVPH RSLFSPQNTLAAPTGHPPSTGVEKVL ASTISTTSTIEFKNMLKNASRKPSDD KHFGQAPSKGTPSDGVSLSNLTQPS LTATDQQQEEHYRIETRVSSCLD LPDSTEEKGAPIETLGYHSASNRMM SGEPIQTVESIRVPGKGNRGGHREA SRVGFDFLSTSGSSFDNGPSSASEL ASLGGGGSGGLTGFKTAPYKERAPQ FQESVGSFRSNSFNSTFEHHLPPSP LEHGTFFQREPVGPPSAPPVPPKDH GGIFSRDAPTHLPSVDLSNPFKTEAA LAHAAPPPPPGEHSGIPFPPTPPPPPP PGEHSSSGSGVFPSTPPPPPPVVD HSGVVPFPAPPLAEHGVAGAVAVFP KDHSSLLQGTAEHFGVLPGRPDHG GPTQRDLNGPGLSRVRESLTLPSHS LEHLGPPHGGGGGGSSNSSSGPPL GPSHRDTISRGIILRSRPFDFRPREP FLSRDPFHSLKRPRPPFARGPPFFAP KRPFPPRY